

ESTUDIO DESCRIPTIVO DE POLIMORFISMOS DE ENZIMAS ANTIOXIDANTES EN CHAGAS



Gerrard G¹; Lioi S¹; Ceruti MJ¹; Diviani R¹; Caffaratti, J¹; Beloscar J², D'Arrigo M¹.

1. Área Química Analítica Clínica. Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas. UNR - Rosario, Argentina.
2. Carrera de Cardiología. Facultad de Ciencias Médicas. UNR. Rosario, Argentina. mdarriago@fbioyf.unr.edu.ar



INTRODUCCIÓN

El hecho de que sólo una parte de la población que vive en zonas endémicas de Enfermedad de Chagas (EC) se infecta y que un tercio de las personas infectadas crónicamente desarrollan síntomas, remarcaría la importancia de factores genéticos en la susceptibilidad y desarrollo de la Miocardiopatía Chagásica Crónica (MCC). Procesos de inflamación crónica inducirían estrés oxidativo y lipoperoxidación. Pacientes que cursan la forma crónica de EC, presentan altos porcentajes de inflamación del miocardio con liberación de citoquinas que inducirían una producción de especies reactivas del oxígeno y el nitrógeno (ROS/RNS) mayor que lo normal. La producción de ROS/RNS podría ser uno de los mecanismos efectores claves para el control de infecciones de *Trypanosoma cruzi* in vivo.

OBJETIVO

Nos propusimos realizar un estudio descriptivo de las frecuencias genéticas (FG) de polimorfismos de superóxido dismutasa (SOD-Mn Ala9Val) y de catalasa (CAT C²⁷²T), en pacientes chagásicos con cardiopatía chagásica (MCC n:25), sin cardiopatía chagásica (ECsinMCC n:20) y cardiopatía no chagásica (CnoC n:25), comparados con controles sanos (C n:55).

MATERIALES Y MÉTODOS

Se trabajó con sangre con EDTA, la extracción de DNA fue realizada con DNA Purification Kit Wizard Genomic (Promega, USA), y la caracterización molecular y genotipificación de los polimorfismos por PCR-RFLP.

RESULTADOS

| FG (IC 95 %) | | C | ECsinMCC | MCC | CnoC |
|--------------|------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| CAT | CC | 0.64 (0.45-0.82) | 0.84 (0.61-1.04) | 0.70 (0.51-0.98) | 0.64 (0.38-0.77) |
| | CT | 0.36 (0.17-0.54) | 0.16 (0.00-0.38) | 0.30 (0.12-0.48) | 0.36 (0.22-0.51) |
| SOD | Ala Ala | 0.57 (0.34-0.73) | 0.36 (0.08-0.63) | 0.28 (0.00-0.63) | 0.62 (0.25-1.02) |
| | Ala Val | 0.33 (0.14-0.51) | 0.46 (0.17-0.74) | 0.51 (0.18-0.79) | 0.30 (0.08-0.38) |
| | Val Val | 0.10 (0.00-0.26) | 0.18 (0.00-0.39) | 0.21 (0.00-0.37) | 0.08 (0.00-0.10) |

Tabla . Frecuencia génica de polimorfismos de CAT y SOD en C, ECsinMCC, MCC y CnoC .

Para comparar las FG se realizó el ensayo de hipótesis de una proporción bajo teoría normal, del cual se evidencia que existen diferencias significativas entre MCC y los demás grupos estudiados para SOD.

CONCLUSIONES

La comprensión de los eventos moleculares involucrados puede contribuir con el desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas que resulten en el control del parásito y de la inflamación que lleva a la MCC. Se sugiere que las diferencias individuales en la producción de biomarcadores de estrés oxidativo y de inflamación podrían ser responsables de la variación de la respuesta entre los individuos. Estas diferencias podrían ser el resultado de los polimorfismos presentes.